

Query Match 84.8%; Score 1169; DB 10; Length 225;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 1e-95;
Matches 225; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 44 GOSIKPVYGRNPSFKLYPCFTESWGDPLPKENDSDMLVYGLNDAFHGCGWEPSSSSD 103
DB 1 GOSIKPVYGRNPSFKLYPCFTESWGDPLPKENDSDMLVYGLNDAFHGCGWEPSSSSD 60
QY 104 EDRSSPSPVKIETPESFAAVDSVPVKKETSPVSAATAAKGKHRYGRVQRPWGKFAAEI 163
DB 61 EDRSSPSPVKIETPESFAAVDSVPVKKETSPVSAATAAKGKHRYGRVQRPWGKFAAEI 120
QY 164 RPAKNGARVWLGFTTAEADALAYDRAAFMRGSRALLNFPPLRVNSGEPDPVRIKSKRS 223
DB 121 RPAKNGARVWLGFTTAEADALAYDRAAFMRGSRALLNFPPLRVNSGEPDPVRIKSKRS 180
QY 224 SFSSSNGCAPKKRRRTVAAGGMDKGLTVKCEVVEVARGDRLLVL 268
DB 181 SFSSSNGCAPKKRRRTVAAGGMDKGLTVKCEVVEVARGDRLLVL 225

RESULT 2
ID Q9MAY9 PRELIMINARY; PRT; 282 AA.

AC Q9MAY9
DT 01-OCT-2000 (Tremblrel. 15, Created)
DT 01-OCT-2000 (Tremblrel. 15, Last sequence update)
DT 01-JUN-2001 (Tremblrel. 17, Last annotation update)
DE AP2-RELATED TRANSCRIPTION FACTOR.
GN CDBP.
OS Mesembryanthemum crystallinum (Common ice plant).
OC Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
OC Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
OC Caryophyllidae; Caryophyllales; Alizoaceae; Mesembryanthemum.
OX NCBI_TaxID=3544;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC TISSUE=LEAF;
RA Scharte J., Baur B.;
RT "A stress induced transcription factor of the AP2 gene family from the
RT inducible CAM-plant Mesembryanthemum crystallinum L.";
RL Submitted (MAR-2000) to the EMBL/GenBank/DBJ databases.
DR EMBL; AF245119; AAF63205.1;
DR InterPro; IPR001471; AP2-domain.
DR Pfam; PF00847; AP2-domain; 1.
DR PRINTS; PR00367; ETHRSPELEMT.
DR ProDom; PD001423; AP2-domain; 1.
DR SMART; SM00380; AP2; 1.
SQ SEQUENCE 282 AA; 30011 MW; 617C32009C535B29 CRC64;

Query Match 53.0%; Score 731; DB 10; Length 282;
Best Local Similarity 55.4%; Pred. No. 8e-57;
Matches 164; Conservative 36; Mismatches 52; Indels 44; Gaps 11;

QY 1 MGMTADSDYAFLESIRRHLLGESEPILESSTASSVTQSCVTGQSIKPVYGRNPSFKL 60
DB 1 MSLIANFESDFAVLESIRRHLLDWDNP---RACAPAIT---TGSG---PVYHNSFSSSL 51
QY 61 YPCFTESWGDPLPKENDSDMLVYGLNDAFHGCGWEPSSSSDEDKRSFP-SVK---IET 116
DB 52 YPCLTDNMGELPLKEDSDMLVGLRDVHTGWSQSGSGSGSPAPVTYKPEPVD 111
QY 117 PSFAVDSVPVK-KETSPVSAATAAKGKHRYGRVQRPWGKFAAEIRDPKNGARVWL 175
DB 112 PVSSPA---PVRVAGGEAPVAAA---PARGKHRYGRVRRRPWGKFAAEIRDPKNGARVWL 165
QY 176 GTFETAEDALAYDRAAFMRGSRALLNFPPLRVNSGEPDPVRIKSKRS-----FSSSNE 230
DB 166 GTFETAEDALAYDRAAFMRGSRALLNFPPLRVNSGEPDPVRIKSKRS-----FSSSNE 225
QY 231 NGAPKRRR---TVAAAG-----GMDKGLTVKCEVVEVARGDRLLV 267
DB 231 NGAPKRRR---TVAAAG-----GMDKGLTVKCEVVEVARGDRLLV 267

DB 226 SASPKRRKKEVVVGVPAQARPGLQQVGNVVEGMQVGVCCQVGVGTMPGLDQLLV 281

RESULT 3

QY 09LW50 PRELIMINARY; PRT; 237 AA.
AC Q9LW50
DT 01-OCT-2000 (Tremblrel. 15, Created)
DT 01-OCT-2000 (Tremblrel. 15, Last sequence update)
DT 01-JUN-2001 (Tremblrel. 17, Last annotation update)
DE ETHYLENE-RESPONSIVE ELEMENT BINDING FACTOR.
GN NSERF2.
OS Nicotiana sylvestris (Wood tobacco).
OC Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
OC Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
OC Asteridae; euasterids I; Solanales; Solanaceae; Nicotiana.
OX NCBI_TaxID=4096;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC PubMed=10945353;
RA Kitajima S., Kovama T., Ohme-Takagi M., Shinshi H., Sato F.;
RT "Characterization of gene expression of NSERFs, transcription factors
RT of basic PR genes from Nicotiana sylvestris.";
RL Plant Cell Physiol. 41:817-824(2000).
DR EMBL; AB016264; BAA97122.1;
DR InterPro; IPR001471; AP2-domain.
DR Pfam; PF00847; AP2-domain; 1.
DR PRINTS; PR00367; ETHRSPELEMT.
DR ProDom; PD001423; AP2-domain; 1.
DR SMART; SM00380; AP2; 1.
SQ SEQUENCE 237 AA; 26243 MW; 01BC3EB51E46298 CRC64;

Query Match 42.7%; Score 589; DB 10; Length 237;
Best Local Similarity 51.5%; Pred. No. 2.3e-44;
Matches 120; Conservative 31; Mismatches 62; Indels 20; Gaps 4;

QY 49 PVYGRNPSFKLYPCFTESWGDPLPKENDSDMLVYGLNDAFHGCGWEPSSSSDEDKRS 108
DB 10 PVYHRTSFSSSLMPLCLDTWGDPLPKVDSDWVYGLISDALTTGWTTPNLSTTEKAE. 69
QY 109 FPSVKIETPESFAAVDSVPVKKETSPVSAATAAKGKHRYGRVQRPWGKFAAEIRDPK 168
DB 70 -PREEIE-----PAPSPVPSVAPPATTTAQAVVPKGRHYGRVQRPWGKFAAEIRDPK 123
QY 169 NGARVWLGFTTAEADALAYDRAAFMRGSRALLNFPPLRVNSGEPDPVRIKSKR----- 222
DB 124 NGARVWLGFTTAEADALAYDRAAFMRGSRALLNFPHRIGLNEPEFVRLTVKRRSPEPA 183
QY 223 -SFSSSNGCAPKKRRRTVAAG-----GMDKGLTVKCEVVEVARGDRLLV 267
DB 184 SSSISPASENSLPKRRRRKAAVAAKQAELEVQSRNSNMVQVCCOMEQFPVGEOLLV 236

RESULT 4

QY 040479 PRELIMINARY; PRT; 233 AA.
AC Q40479
DT 01-NOV-1996 (Tremblrel. 01, Created)
DT 01-NOV-1996 (Tremblrel. 01, Last sequence update)
DT 01-JUN-2001 (Tremblrel. 17, Last annotation update)
DE EREBP-2.
OS Nicotiana tabacum (Common tobacco).
OC Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
OC Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
OC Asteridae; euasterids I; Solanales; Solanaceae; Nicotiana.
OX NCBI_TaxID=4097;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC STRAIN=BY4; TISSUE=LEAF;
RX MEDLINE=95276459; PubMed=7756828;
RA Ohme-Takagi M., Shinshi H.;
RT "Ethylene-inducible DNA binding proteins that interact with an


```

DR SMART; SM00380; AP2; 1.
SQ SEQUENCE 291 AA; 32878 MW; 13E7ED8C819D5F48 CRC64;

Query Match 23.9%; Score 329.5; DB 10; Length 291;
Best Local Similarity 32.9%; Pred. No. 2.8e-21;
Matches 93; Conservative 43; Mismatches 72; Indels 75; Gaps 11;

QY 5 ADSQSDYAFLESIRRHLLGES-----EPIL-SESTASSVTQSCVTGQSIKPVYGRNP 55
DQ ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 2 ASPOENCITDLIRKQHLDDNVFHEHYCPQILYSSQSSSSSSUNSTASELNNETFSFEP 61
QY 56 SFSKLYPCFTESWGDLPLKEND-----SEDMLYVIGLN-----DAFHGGWEPS-----SSS 101
DQ ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 62 T-----LKYADTAQSNLDISSFFNNSKTEFDSFEFETKPNVSAARISS 105
QY 102 SDEDRSSF-----PSVKIETP-----ESFAVDSVPVKKEKTPSVSAAYTAAGKHRYGVRQ 153
DQ ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 106 NSPKQTSFKERKPSLNIAIPMKQEVQVKVEVPTEK-----KHRYGVRQ 150
QY 154 RPWCKFAAEIRDPKAKNGARVWLGTFTAEADLAAYDRAAFPMRGSRALINPLPLRVNSGEP 213
DQ ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 151 RPWCKFAAEIRDPNRKGTWVLGTFDTAEAKAYDRAAFKRLGSKAIVNPFLEV----- 205
QY 214 DPVRIKSRSSFSSNENGAPFKRRTYAAGGMDKGLTKCEV 256
DQ ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 206 --ANFKQDNEILQPANSGRKRMRET-----ENEIVIKKEV 240

RESULT 14
Q9LDB6 PRELIMINARY; PRT; 203 AA.
AC Q9LDB6;
DT 01-OCT-2000 (TrEMBLrel. 15, Created)
DT 01-OCT-2000 (TrEMBLrel. 15, Last sequence update)
DT 01-JUN-2001 (TrEMBLrel. 17, Last annotation update)
DE AP2-DOMAIN DNA-BINDING PROTEIN.
OS ORCA3.
GN Catharanthus roseus (Rosy periwinkle) (Madagascar periwinkle).
OC Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
OC Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
OC Asteridaceae; euasterids I; Gentianales; Apocynaceae; Catharanthus.
RX NCBI_TaxID=4058;
RN [1]
RC SEQUENCE FROM N.A.
RC STRAIN=G.DON; TISSUE=ROOT;
RX MEDLINE=20355201; PubMed=10894776;
RT van der Fits L, Memelink J.;
RT "ORCA3, a jasmonate-responsive transcriptional regulator of plant
RT primary and secondary metabolism.";
RL Science 289:295-297(2000)
DR EMBL; AJ251250; CAB96900.1; -
DR EMBL; AJ251249; CAB96899.1; -
DR InterPro; IPR001471; AP2-domain.
DR Pfam; PF00847; AP2-domain; 1.
DR PRINTS; PR00367; ETHRSGPELEMT.
DR ProDom; PD001423; AP2-domain; 1.
DR SMART; SM00380; AP2; 1.
KW DNA-binding.
SQ SEQUENCE 203 AA; 22322 MW; CEE84C274312A601 CRC64;

Query Match 23.5%; Score 324; DB 10; Length 203;
Best Local Similarity 36.0%; Pred. No. 5.4e-21;
Matches 91; Conservative 27; Mismatches 69; Indels 66; Gaps 9;

QY 1 MSMTADSQSDYAFLESIRRHLLGSEPILESSESTASSVTQSCVTGQSIKPVYGRNPFSKL 60
DQ ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 1 MSEEIISVDRFLSLIEHLSDN-----SDSSSELTST----- 36
QY 61 YPCFTESWGDLPLKENDEMDLYVIGLINDAFHGGWEPSSSSSSDRSRFSFSVKIETPESF 120
DQ ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 37 -----EETADFPL-----NW-----SGSRFTOKRGSPS--SFGCSN 69

```

```
QY 121 AAVDSVPVKKEKTSVPVSAAYTAAGK---HYRGVRQRPWGKFAAEIRDPKNGARVWLGT 177
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 70 SMAESQEDSVWGTPPEAAAGGCGSKDNRKYGVRPRPWGKFAAEIRDPKKGSRWLGT 129
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 178 FETAEDAAALAYDRAAFMRGRSALLNFPPLRVNSGEPDPVRIKSKR-----SSFS 226
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 130 YETPEDAALAYDAAAFNMRGAKARLNFPLHLIGSNISGVRVNRKRFPAPSPSTSSSSS 189
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 227 SSNEN-GAPKKRR 238
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 190 SSSENSGGRKKRR 202
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
```

RESULT 15

```
Q9FR33 PRELIMINARY; PRT; 214 AA.
Q9FR33;
DT 01-MAR-2001 (TrEMBLrel. 16, Created)
DT 01-MAR-2001 (TrEMBLrel. 16, Last sequence update)
DT 01-JUN-2001 (TrEMBLrel. 17, Last annotation update)
DE RIPENING REGULATED PROTEIN DDTFR10/A (FRAGMENT).
GN DDTFR10/A.
OS Lycopersicon esculentum (Tomato).
OC Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
OC Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
OC Asteridae; euasterids I; Solanales; Solanaceae; Solanum.
OX NCBI_TaxID=4081;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RA Giovannoni J.J., Yen H., Shelton B., Miller S., Verbalov J.,
RA Kannan P.;
RT "Genetic mapping of ripening and ethylene related loci in tomato.";
RL Theor. Appl. Genet. 98:1005-1013(1999).
DR EMBL; AF204784; AAG49031.1; -.
DR InterPro; IPR001471; AP2-domain.
DR Pfam; PF00847; AP2-domain; 1.
DR PRINTS; PR00367; ETHRSPPELEMT.
DR ProDom; PD001423; AP2-domain; 1.
DR SMART; SM00380; AP2; 1.
FT NON_TER 1
SQ SEQUENCE 214 AA; 24102 MW; 45D8631266C1E085 CRC64;
```

```
Query Match 23.1%; Score 318.5; DB 10; Length 214;
Best Local Similarity 46.2%; Pred. No. 1.8e-20;
Matches 73; Conservative 24; Mismatches 48; Indels 13; Gaps 4;
QY 108 SFPVS-KIETPESFAAVDSVPVKKE-KTSPVSA-----AVTAAKGKHYRGVRQRPWGK 158
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 11 SIFSVKTEPKTGEVKTGEKTEEPKTEPKTEPKTEPKTEPKTEPKTEPKTEPKTEPKTEPK 70
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 159 FAAEIRDPKNGARVWLGTFTETAEDAAALAYDRAAFMRGRSALLNFPPLRVNSGEPDPVRI 218
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 71 FAAEIRDPTRKGRVWLGTFTAMDAAAYDRAAFRLRGSKAILNFPLEVSFKQENHEI 130
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 219 KKRSSFSSSNENGAPKKRTVAAGGMDKGLTVKCEV 256
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 131 EKNVNLNSNTSCGKRVRRME-----NDDGIVMKKEV 164
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
```

Search completed: March 20, 2002, 16:39:27
Job time: 196 sec